

VARIABILIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA DE LA
POBLACIÓN DEL CHICHARRO, *TRACHURUS*
PICTURATUS (BOWDICH, 1824), EN LAS ISLAS
CANARIAS.

MEMORIA PRESENTADA POR RICARDO CUSCÓ MARÍN PARA OPTAR AL DIPLOMA DE
ESTUDIOS AVANZADOS EN CIENCIAS DEL MAR

UNIVERSIDAD DE LAS PALMAS DE GRAN CANARIA

2004

*Dedicado a mi abuelo, Felipe Marín Patau,
a quien debo mi pasión por el mar.*

Resumen

Trachurus picturatus, conocido comúnmente como chicharro, supone un importante recurso pesquero para la flota artesanal de las Islas Canarias. Sin embargo, su biología está poco estudiada y se desconocen los parámetros básicos para poder aplicar las adecuadas herramientas de gestión encaminadas a su conservación. Para ello, es fundamental determinar las unidades biológicas sobre las que actúan las extracciones.

Con este propósito, se analizó mediante la técnica de electroforesis isoenzimática muestras procedentes de las capturas comerciales de las islas de La Palma, Lanzarote y Gran Canaria.

Se concluyó que la población se comporta como una única unidad panmíctica en las Islas Canarias, mostrando niveles de variabilidad genética mayores que otras especies de peces y un flujo genético importante entre las unidades analizadas.

Índice

- Introducción.....3
- Materiales y método.....8
- Resultados.....13
- Discusión.....18
- Conclusiones.....23
- Bibliografía.....25

Introducción

La Organización para la Alimentación y Agricultura (FAO), de Naciones Unidas, estima que el 70% de los caladeros tradicionales de pesca del planeta se encuentran agotados o sobreexplotados (FAO, 2002). En este sentido, Canarias no es una excepción a este problema mundial, ya que el continuo crecimiento de la extracción de sus recursos pesqueros ha llevado a muchas especies a una situación de sobreexplotación (Pajuelo y Lorenzo, 1995; 1996; Hernández-García et al, 1998; Mancera-Rodríguez, 2000). Esto ha obligado a la Administración Autónoma a tomar medidas de gestión orientadas a la conservación de estos recursos, como son el establecimiento de, entre otras medidas, tallas mínimas para algunas especies, la prohibición o restricción de uso de determinados artes de pesca y la creación de zonas protegidas total o parcialmente. Sin embargo, la aplicación eficaz de estas medidas requiere una definición clara de cuáles son las unidades biológicas sobre las que se realiza la extracción, de forma que exista un balance adecuado entre lo que se extrae y lo que permanece en el tiempo de forma natural. Con este objetivo, se han desarrollado numerosas técnicas estadísticas que permiten comparar las características morfológicas, biológicas y bioquímicas, que puedan existir entre muestras procedentes de los distintos puntos del área de distribución de una especie, entre los que se suponga que pueda existir aislamiento reproductivo.

Trachurus picturatus (Bowdich, 1825), conocido comúnmente en Canarias, Azores y Madeira como chicharro, es un pez de hábitos pelágico-costeros que vive hasta una profundidad de 370 metros (Lloris y Moreno, 1995). Se distribuye en el Atlántico Oriental desde el Golfo de Vizcaya hasta Mauritania, y en la mitad occidental del Mediterráneo (Smith-Vaniz y Berry, 1981), hallándose asociado a la plataforma, tanto en áreas continentales como insulares de Canarias, Azores y Madeira, así como a bancos y montañas submarinas (Fig. 1) (Shaboneyev y Ryazantseva, 1977; Zenkin y Ryazantseva, 1987; Durán Muñoz y Román Marcote, 2000; Fock et al, 2002).

El amplio rango de distribución de esta especie, habitando masas de agua de características muy heterogéneas, unida a sus hábitos neríticos, (aquellos asociados a la costa al hallarse sobre la plataforma continental o sobre el talud hasta una profundidad de 200 metros), hacen suponer la existencia de distintas subpoblaciones aisladas con un mayor o menor intercambio genético entre ellas, en función de la distancia que las separe y de las características topográficas e hidrodinámicas de la zona (Shaboneyev y Kotlyar, 1979). Aunque son pocos los autores que han estudiado la estructura de las poblaciones de chicharro, Shaboneyev y Ryazantseva (1976), basándose en doce características morfológicas analizadas, proponen que la estructura de las poblaciones del Atlántico Oriental es muy compleja, con diversas variaciones entre las diferentes áreas de distribución. Estos autores establecen que los chicharros que habitan aguas de la plataforma africana constituyen un grupo diferenciado del resto de grupos oceánicos, siendo los chicharros que habitan aguas de Canarias y de Azores morfológicamente más próximos. En este mismo sentido, Bukatin et al, (1982) observaron diferencias importantes en nueve características morfométricas plásticas (entre las que se encuentran: el diámetro del ojo, la longitud de la cabeza, las longitudes preanal, preventral y predorsal, la longitud del primer tramo de la línea lateral, etc.) entre los grupos de los archipiélagos de Azores, Canarias y la plataforma africana, así como diferencias bioquímicas, al hallar una mayor proporción en un determinado fenotipo de esterasa (que denominaron 'DD'), que resultó más abundante en los individuos de la plataforma africana.

Zenkin y Ryazantseva (1987) aportan pruebas bioquímicas más sólidas de este aislamiento regional, al encontrar diferencias significativas en dos esterases entre muestras del banco *Amper* y muestras de los montes submarinos Erwing, Meteor y Josephine (véase fig.1). Estos investigadores proponen un modelo de migración reproductiva en sentido Sur-Norte, entre los bancos próximos, y de colonización en sentido Norte-Sur a partir de larvas que transportaría el ramal descendente de la

corriente de Azores. Esta migración quedaría restringida cuando las distancias son mayores entre los bancos, dando lugar a la existencia de distintas subpoblaciones.

Por otra parte, en las Islas Canarias el chicharro está sometido a explotación pesquera por la flota artesanal mediante artes de cerco y supone un importante recurso. Sin embargo, es muy escasa la información biológica existente sobre la especie en esta región, lo que hace necesario abordar estudios que permitan afrontar su correcta gestión pesquera y, especialmente, verificar la posible existencia de diversas subunidades poblacionales.

La estructura del Archipiélago Canario, con estrechas plataformas insulares separadas por profundidades de hasta 3.000 metros, diferencias de temperatura de hasta cinco grados centígrados entre las islas más orientales y las más occidentales, y una orientación de sus islas en sentido Este-Oeste, perpendicular a la corriente de Canarias, puede suponer una barrera física para el flujo genético de las poblaciones neríticas presentes en sus aguas, y propiciar fenómenos de aislamiento reproductivo. El propósito del presente trabajo es aportar un mayor conocimiento de la estructura de las poblaciones de chicharro en las Islas Canarias, determinando si existe aislamiento entre las distintas islas, o si por el contrario existe un flujo genético abierto entre ellas que permita considerar una sola población panmíctica (aquella en la que los cruzamientos se producen al azar).



Fotografía de un ejemplar de *Trachurus picturatus*.

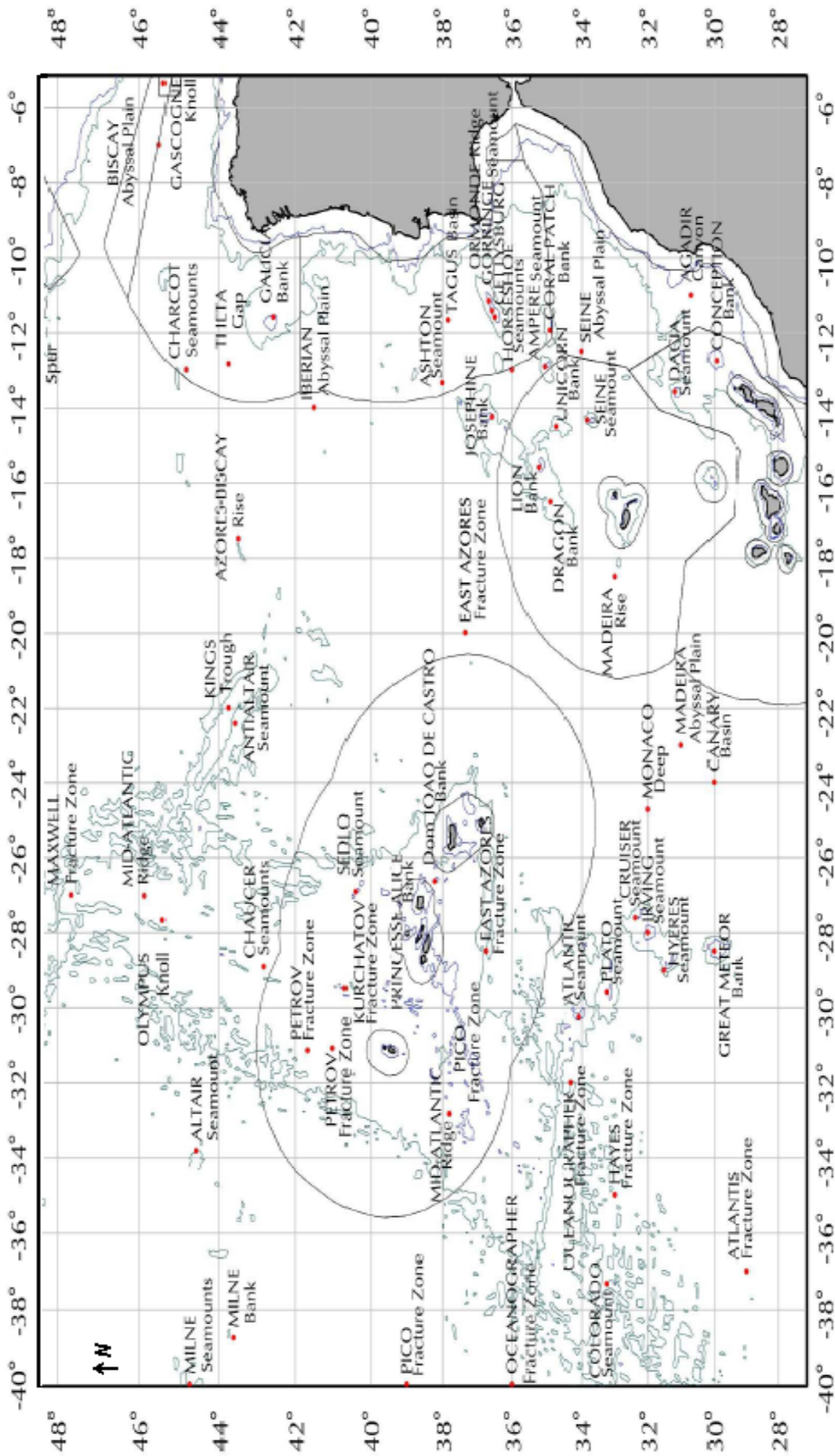


Figura 1. Área de distribución atlántica de *Trachurus picturatus* (mapa modificado de Bern Christiansen © citado en Gubbay, S. (2003)).

Materiales y Método.

Entre los meses de mayo y octubre del año 2000 se obtuvieron un total de 161 ejemplares de chicharro, procedentes de las capturas comerciales de los puertos de Arguineguín (Gran Canaria), Tazacorte (La Palma) y Arrecife (Lanzarote) (Fig. 2). Las muestras fueron etiquetadas y mantenidas en congelación a $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$. Una vez en el laboratorio, a cada individuo se le extrajo el hígado, los ojos y una sección de tejido muscular, los cuales fueron posteriormente conservados a $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ hasta el momento de su análisis.

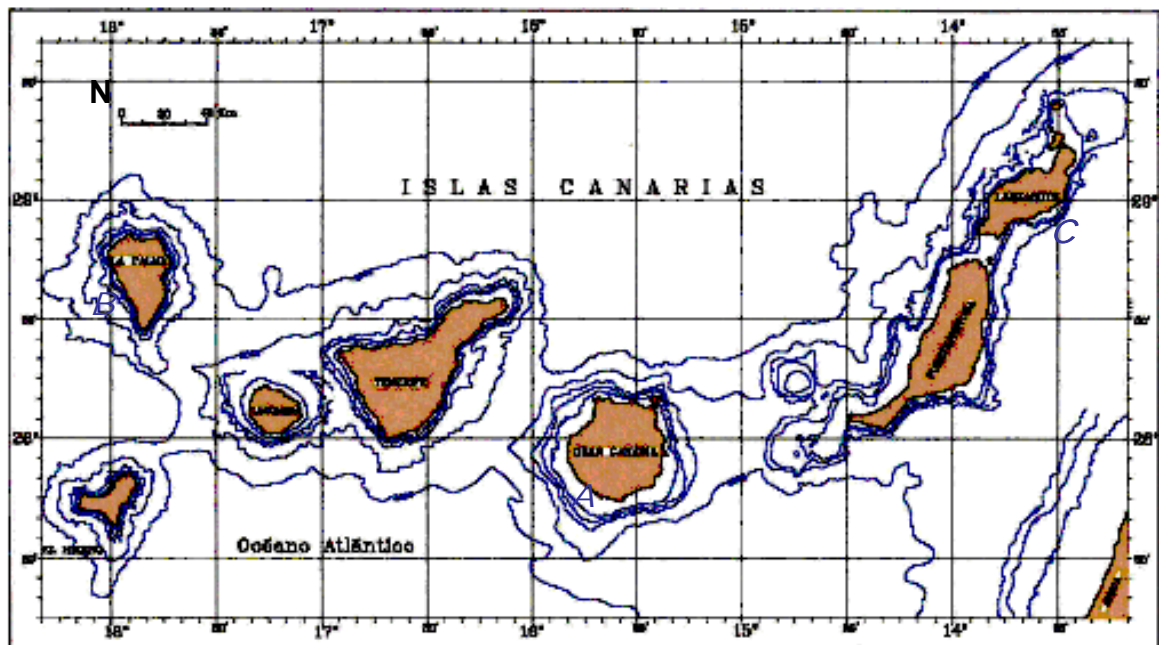


Figura 2. Batimetría y puntos de muestreo. A: Arguineguín; B: Tazacorte; C: Arrecife.

Para la identificación de diferencias bioquímicas entre las muestras de chicharos se utilizó la electroforesis isoenzimática en gel de almidón. Esta técnica mide el grado de variación proteica de una población y, debido a la relación directa que existe entre genes y proteínas, permite estimar las frecuencias génicas, los niveles de variabilidad genética, las distancias genéticas existentes entre grupos muestreados y evaluar las posibles diferencias que pudieran existir.

Para ello, las muestras se homogeneizaron en una solución tampón de piridoxal-5-fosfato, tritón y pipes y se impregnaron en tiras de papel Whatmann de 0.25

cm de ancho. Cada una de las muestras fue convenientemente clasificada, etiquetada y congelada a $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ para su uso posterior en la electroforesis.

La técnica electroforética utilizada es la descrita por Aebersold et al, (1987). El campo eléctrico se aplicó durante períodos comprendidos entre dos y cuatro horas mediante fuentes de corriente Pharmacia Biotech (modelo EPS 600). Los geles y 'buffers' utilizados, junto con la información referente a los campos eléctricos y su duración, se esquematizan en la Tabla 1. Las tinciones empleadas en el revelado de las isoenzimas sigue los protocolos de Aebersold et al, (1987) y de Soltis et al, (1983). Los zimogramas obtenidos se fotografiaron con una cámara Kodak modelo DC 40, y las fotos se almacenaron en soporte digital.

Los distintos patrones de bandas observados se interpretaron teniendo en cuenta las consideraciones de Richardson (1986). El resultado de esta interpretación derivó en la construcción de tablas en las que se asigna el genotipo de cada individuo para cada locus.

La nomenclatura utilizada para designar los alelos y locus fue la dada por Shaklee et al (1990), designándose como *100* al alelo más común, y el resto según su movilidad relativa respecto a éste. Cuando se identificó la presencia de más de un locus para un determinado sistema enzimático, éstos se nombraron consecutivamente como 1, 2, 3,..., a partir del locus con mayor migración anódica.

Con objeto de aumentar las probabilidades de detectar las posibles diferencias genéticas se eligieron las zonas de muestreo según su posición geográfica en el Archipiélago. Gran Canaria ocupa una posición central, mientras que las islas de Lanzarote y La Palma se sitúan en los extremos oriental y occidental respectivamente. El número de individuos por muestra (50 ejemplares por isla) se considera representativo estadísticamente para detectar diferencias entre las frecuencias del alelo más común de 0.1 a 0.5, de acuerdo con lo señalado por Richardson et al, (1986).

Tabla 1. Lista de loci estimados para cada sistema enzimático y tejidos utilizados.

Sistemas enzimáticos	Abreviatura	E.C. (*)	iTejido(**)	Buffer (***)	Loci
Adelinato kinasa	AK	2.7.4.3	H	AC 6.5	<i>AK-1</i>
Diaforasas	DIA	1.6.*.*	H	TBE 8.5	<i>DIA</i>
Esterasas	EST	3.1.1.1	M	TBE 8.25	<i>EST-1</i>
Glicerol-3-P deshidrogenasa	G3PDH	1.1.1.8	H, M	TBE 8.25	<i>G3PDH-1</i> <i>G3PDH-2</i>
Isocitrato deshidrogenasa	IDH	1.1.1.42	H, M	AC 7	<i>IDH-1</i> <i>IDH-2</i>
Lactato deshidrogenasa	LDH	1.1.1.27	M, H	AC 6.5	<i>LDH-1</i> <i>LDH-2</i>
Malato deshidrogenasa	MDH	1.1.1.37	M	TBE 8.25	<i>MDH-1</i> <i>MDH-2</i>
Enzima málica	ME	1.1.1.40	M	CTC 8.0	<i>ME</i>
Glucosa-6-P deshidrogenasa	PGI	5.3.1.9	M	TCBL 8.1	<i>PGI-1</i> <i>PGI-2</i>
Fosfoclucomutasa	PGM	2.7.5.1	M, H	TCBL 8.5	<i>PGM-1</i>
Piruvato kinasa	PK	2.7.1.40	H	AC 6.5	<i>PK-1</i>
Sorbitol deshidrogenasa	SDH	1.1.1.14	H	AC 6.5	<i>SDH</i>
Superóxido dismutasa	SOD	1.15.1.1	M, H	AC 6.5	<i>SOD</i>
Xantina deshidrogenasa	XDH	1.1.1.204	H	TBE 8.2	<i>XDH</i>

(*) Números de referencia enzimática correspondientes a la 'Enzyme Commission' (E.C.) según la IUBNC (1984).

(**) M: Músculo; H: Hígado.

(***) AC: Citrato-aminopropylmorfolina (modificado de Clayton y Tretiak, 1972). TBE: Tris-edta-borato (modificado de Markert y Faulhaber, 1965). TCBL: Tris-citrato-litio-borato (modificado de Aston y Braden, 1961). CTC: Tris citrato (Meizel y Market, 1967).

Para el análisis de los datos se usó el programa BIOSYS (Swofford y Selander 1981), que permitió estimar las frecuencias alélicas, la proporción de loci polimórficos (P), la heterocigosidad media observada por locus y la heterocigosidad media esperada por locus en situación de panmixia (H_e). Las diferencias entre las frecuencias genotípicas obtenidas y las esperadas bajo el equilibrio de Hardy-Weinberg se evaluaron mediante el test X^2 .

La hipótesis de homogeneidad en la distribución de las frecuencias alélicas de las muestras procedentes de cada isla se evaluó mediante los tests de probabilidad exacta y de chi-cuadrado (X^2). Se obtuvo la distancia genética de Nei (Nei, 1972) y se estimó la varianza genética de las frecuencias alélicas entre los grupos mediante el estadístico F_{st} de Wright (Wright, 1951). También se contrastó la hipótesis nula de homogeneidad de las estimaciones de F_{st} para cada locus y se obtuvo el número medio de emigrantes por generación (Nm), donde el estadístico m representa la probabilidad de que un cierto gameto sea un emigrante, y N es el número de individuos reproductores. Su valor se obtuvo a partir de la ecuación

$$Nm = \frac{1}{4} \left(\frac{1}{F_{ST}} - 1 \right) \text{ (Wright, 1951), para un modelo de islas, por ser } F_{st} \text{ el estadístico que}$$

mejor se aproxima al problema en las condiciones del medio natural (Slatkin, 1993).

Resultados

De los 32 sistemas enzimáticos ensayados se obtuvo una óptima resolución para 14 de ellos, identificándose un total de 19 locus, (Tabla 1), aunque solo se halló variabilidad achacable a causas genéticas en siete de ellos (*Est-1*, *G3pdh-1*, *Idh-1*, *Idh-2*, *Pgi-1*, *Pgm-1* y *Sdh*). Entre estos, los loci *G3pdh-1* e *Idh-2* presentaron una frecuencia superior al 95% para su alelo más común en alguna de las localidades, hallándose un único alelo raro para el locus *Pgm-1* en las muestras correspondientes a la isla de La Palma. En la Tabla 2 se muestran las frecuencias alélicas estimadas en las tres localidades para cada locus.

Tabla 2. Frecuencias alélicas.

Locus	Alelos	Localidad		
		N (d.t.)		
		Gran Canaria	La Palma	Lanzarote
		50 (.0)	51.9 (1.2)	41 (.0)
<i>Est-1</i>	1	0,610	0,650	0,720
	2	0,380	0,350	0,280
	3	0,010	0,000	0,000
<i>G3pdh-1</i>	1	0,990	0,979	0,963
	2	0,010	0,021	0,037
<i>Idh-1</i>	1	0,640	0,536	0,610
	2	0,200	0,259	0,268
	3	0,160	0,205	0,122
<i>Idh-2</i>	1	1,000	1,000	0,988
	2	0,000	0,000	0,120
<i>Pgi-1</i>	1	0,640	0,625	0,512
	2	0,290	0,323	0,415
	3	0,060	0,031	0,061
	4	0,010	0,021	0,012
<i>Pgm-1</i>	1	1,000	0,990	1,000
	2	0,000	0,010	0,000
<i>Sdh</i>	1	0,640	0,621	0,634
	2	0,330	0,363	0,366
	3	0,030	0,016	0,000

N (d.t.): Número medio de individuos para los que se obtuvo una resolución óptima del total de sistemas enzimáticos analizados y su desviación típica. (En el caso de las muestras procedentes de La Palma se obtuvo un número variable de muestras con resolución óptima entre 50 y 60 dependiendo del sistema enzimático analizado).

Los valores medios de polimorfismo ($P=21.05\%$) y heterocigosidad ($He= 0.099-0.105$), así como los de heterocigosidad observada en cada locus y número medio de alelos por locus ($A= 1.5$) resultaron similares en las tres islas (Tabla 3).

Tabla 3. Heterocigosidad por locus.

Locus	Localidad								
	Gran Canaria			La Palma			Lanzarote		
	N	He	Ho	N	He	Ho	N	He	Ho
<i>Est-1</i>	50	.488	.540	50	.460	.500	41	.409	.463
<i>G3pdh-1</i>	50	.020	.020	70	.042	.043	41	.071	.073
<i>ldh-1</i>	50	.530	.380	56	.609	.554	41	.548	.548
<i>ldh-2</i>	50	.000	.000	50	.000	.000	41	.024	.024
<i>Pgi-1</i>	50	.508	.520	48	.509	.458	41	.569	.561
<i>Pgm-1</i>	50	.000	.000	50	.020	.020	41	.000	.000
<i>Sdh</i>	50	.485	.520	62	.486	.403	41	.470	.341

N: Número de individuos analizados; Ho: Heterocigosidad observada.

He: Heterocigosidad esperada (Nei, 1978).

La distribución genotípica observada en cada locus polimórfico se ajustó a la esperada bajo el supuesto de equilibrio de Hardy-Weinberg, existiendo ligeros excesos de individuos homocigóticos en los loci *ldh-1* en la isla de Gran Canaria (índice de fijación 0.276) y *Sdh* en la isla de Lanzarote (índice de fijación 0.264) (Tabla 4). La desviación del cero de los índices de fijación se contrastó mediante $X^2_{(1)}= nF^2$, pero al no ser significativa al 95% se puede asumir que en cada grupo el apareamiento es aleatorio.

En las Tablas 5 y 6 se muestran los valores de la distancia genética de Nei, donde se observa que es ligeramente mayor entre las muestras de Lanzarote y Gran Canaria que entre las de La Palma y Lanzarote y las de La Palma y Gran Canaria. Las distancias en cada locus son mayores entre la isla de Lanzarote y las otras dos

localidades, excepto para el locus *Idh-1*, que presenta una mayor distancia entre Gran Canaria y La Palma.

Tabla 4. Valores de variabilidad genética.

Localidad	A (d.t.)	Ho (d.t.)	He (d.t.)	Polimorfismo		
				.95%	.99%	Sin criterio
Gran canaria	1.53 (.22)	.099 (.045)	.107 (.048)	21.05	26.32	26.32
La Palma	1.53 (.21)	.104 (.046)	.112 (.050)	21.05	31.58	31.58
Lanzarote	1.47 (.19)	.105 (.046)	.110 (.048)	21.05	31.58	31.58

A: nº medio de alelos por locus; Ho: Heterocigosidad observada.

He: Heterocigosidad esperada (Nei, 1978); (d.t.): desviación típica.

.95%: Valor del polimorfismo que considera polimórficos los loci para los que la frecuencia del alelo más común no supera el 95%.

.99%: Valor del polimorfismo que considera polimórficos los loci para los que la frecuencia del alelo más común no supera el 99%.

Tabla 5. Distancia genética de Nei (1972).

Población	Gran canaria	La Palma
Gran canaria		
La Palma	0.01	
Lanzarote	0.02	0.01

Tabla 6. Distancia genética de Nei (1972)

entre poblaciones para cada locus.

Localidades	Locus			
	<i>Est-1</i>	<i>Idh-1</i>	<i>Pgi-1</i>	<i>Sdh</i>
Gran Canaria - La Palma	0.002	0.015	0.002	0.002
Gran Canaria - Lanzarote	0.017	0.007	0.033	0.002
La Palma - Lanzarote	0.007	0.012	0.022	0.000

No se hallaron diferencias significativas entre las distribuciones de frecuencias alélicas de las distintas localidades para ninguno de los loci analizados (Tabla 7). El bajo valor de F_{st} (0.007) muestra un alto grado de homogeneidad entre los diferentes grupos, así como el valor estimado de emigrantes por generación (Nm) que resultó ser de 35.4 individuos.

Tabla 7. Test Chi-cuadrado de contingencia en todos los loci.

Locus	Nº de alelos	X^2_n	G.L.	P
<i>Est-1</i>	3	4.005	4	.40539
<i>G3pdh-1</i>	2	1.498	2	.47273
<i>Idh-1</i>	3	4.147	4	.38653
<i>Idh-2</i>	2	2.448	2	.29409
<i>Pgi-1</i>	4	5.096	6	.53155
<i>Pgm-1</i>	2	1.826	2	.40122
<i>Sdh</i>	3	2.739	4	.60244
Total		21.759	24	.59366

G.L.: Grados de libertad.

P: probabilidad.

Discusión

Los resultados obtenidos muestran que el chicharro presenta homogeneidad genética entre las localidades analizadas, existiendo un flujo importante o cuando menos suficiente para mantenerla.

Las estimaciones de variabilidad genética halladas para *Trachurus picturatus* son mayores a las heterocigosidades medias propuestas por Smith y Fujio (1982) para 106 especies de teleósteos marinos ($H_o=0.060 \pm 0.038$). Sin embargo, son similares a las descritas por otros autores para otras especies del género *Trachurus*: *T. mediterraneus* ($H_o=0.116$) y *T. trachurus* ($H_o=0.108$) (Ben Salem y Ktari, 1992); *T. symmetricus murphyi* ($H_o=0.124$) (González et al, 1996). La causa de esta mayor variabilidad respecto a otras especies de peces marinos cabe buscarla en su amplio rango de distribución en aguas templadas, sus hábitos pelágicos y su alto grado de especialización (Smith y Fujio, 1982). Otro factor que influye sobre las estimaciones de variabilidad genética es el número de loci analizados, y en este sentido Stepien y Rosenblatt (1996) hallaron un valor inferior de heterocigosidad media para *T. symmetricus* ($H_o=0.065$) y *T. lathami* ($H_o=0.048$), sobre un total de 42 loci.

El alto grado de homogeneidad en las frecuencias alélicas contrastado mediante el análisis de contingencia de la chi-cuadrado y el test de probabilidad exacta, y el bajo valor de F_{ST} (Tabla 8), denotan la ausencia de estructuración genética entre los grupos de las tres localidades. En consecuencia, la hipótesis de que *Trachurus picturatus* presenta una sola población panmíctica en las islas muestreadas no puede ser rechazada.

Tabla 8. Estadísticos F de Wright (Wright, 1978).

Locus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
<i>Est-1</i>	-.120	-.111	.008
<i>G3pdh-1</i>	-.029	-.023	.005
<i>ldh-1</i>	.120	.126	.007
<i>ldh-2</i>	-.012	-.004	.008
<i>Pgi-1</i>	.018	.030	.012
<i>Pgm-1</i>	-.010	-.003	.007
<i>Sdh</i>	.184	.185	.001
Media	.053	.059	.007

F_{IS} : Correlación entre dos alelos unitivos en las subpoblaciones.

F_{IT} : Correlación entre dos alelos unitivos en el conjunto de todas las subpoblaciones.

F_{ST} : Correlación entre dos alelos unitivos entre las subpoblaciones.

Los bajos valores de distancia genética y las estimaciones de flujo genético entre las islas, sugieren que el número de emigrantes por generación (Nm) es suficiente para mantener homogeneidad en las frecuencias alélicas, y evitar la diferenciación por deriva genética (Slatkin, 1989). Asimismo, los valores de mayor distancia genética (D) se dan con respecto a la isla de Lanzarote ($D=0.02$), resultando más afines entre sí ($D=0.01$) las otras dos localidades (Tablas 5 y 6). Este resultado coincide con lo propuesto por Brito (1984) y Brito et al (1994) respecto a la composición de la ictiofauna de las islas orientales, más influenciada por su proximidad a la plataforma africana, con respecto a las islas occidentales.

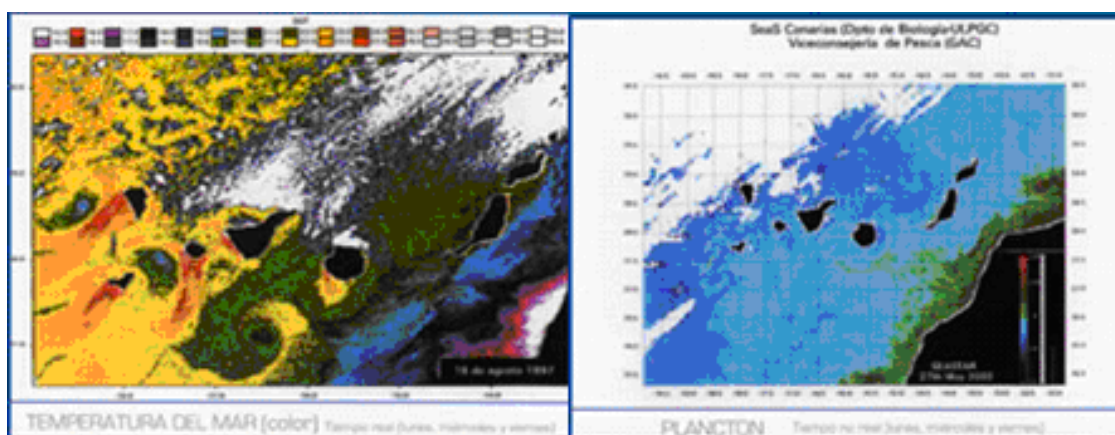


Fig. 3. Fenómenos oceanográficos a mesoescala presentes en la zona canaria (SeaS Canarias, ULPGC).

Las formas en que se produce el intercambio genético pueden ser debidas a la capacidad de realizar grandes migraciones verticales y horizontales de la especie (Lloris y Moreno, 1995), o a la intensa actividad a mesoescala de la zona, en forma de *jets* costeros procedentes del afloramiento sahariano, remolinos ciclónicos y anticiclónicos, y estelas de aguas cálidas a sotavento de las islas (La Violette, 1974; Van Camp y Nykjaer, 1988; Molina y Laatzén, 1986; 1989), que pueden transportar larvas e individuos inmaduros en sentido Este-Oeste y propiciar migraciones tróficas (Rodríguez et al, 1999) (Fig.3). Aún cuando esta migración puntual de individuos homogeneice la estructura genética de la población, ésta puede estar subdividida en diferentes grupos, denominados *demos* o subpoblaciones fenotípicamente adaptadas a las condiciones ambientales heterogéneas del área canaria, presentando tasas de crecimiento diferentes o distintas épocas de freza (Castro et al, 2002).

Una interpretación errónea de la estructura genética de las poblaciones naturales sometidas a explotación puede llevar a su sobreexplotación y mermar su acervo genético, al eliminar, parcial o totalmente, alguna de las unidades reproductoras que las componen (Guerra-Sierra y Sánchez-Lizaso, 1998). Este problema es de especial relevancia cuando por conveniencia administrativa, las poblaciones son gestionadas sistemáticamente bajo la asunción de poblaciones unitarias y panmícticas. La existencia de diferentes unidades de población debe ser tratada mediante parámetros diferenciados para cada unidad, como pueden ser las tasas de crecimiento o la mortalidad por pesca. En este sentido, Castro et al (2002) encuentran diferencias morfológicas, merísticas y biológicas entre muestras de esta especie procedentes de las islas de Gran Canaria y La Palma, que apuntan hacia la existencia de un cierto grado de aislamiento entre ellas. Por ello, sería adecuado realizar nuevos estudios orientados a revelar variabilidad genética no detectada en este trabajo, analizando un número mayor de sistemas enzimáticos o bien mediante el uso de otros marcadores genéticos. Además, para conocer mejor la estructuración real de las poblaciones de esta especie sería adecuado comparar muestras procedentes

de un mayor número de localidades, como la plataforma sahariana, el Mediterráneo Occidental, Azores, Madeira y los montes y bancos submarinos del Atlántico Oriental.

Conclusiones

Las principales conclusiones que se extraen del presente trabajo son las siguientes:

1. Las muestras analizadas procedentes de las islas de Gran Canaria, La Palma y Lanzarote son genéticamente homogéneas, no pudiéndose rechazar la hipótesis de que esta especie presente una estructura de población panmíctica.
2. Los niveles de variabilidad genética, detectados mediante electroforesis isoenzimática, resultan mayores que los valores medios descritos para los peces marinos, habiéndose obtenido un valor medio de heterocigosidad (H_o) de 0.102.

Bibliografía

- Aebersold, P.B.; Winans, G.A.; Steel, D.J.; Milner, G.B.; Utter, F.M. 1987: Manual for starch gel electrophoresis: a method for detection of genetic variation. *NOAA, Technical Report*. 61:1-19.
- Aston, C.C. & Braden, W.H. 1961. Serum beta-globulin polymorphism in mice. *Aust. J. Biol. Sci.* 14:248-253.
- Ben Salem, M. & Ktari M.H., 1992. Présentation des espèces du genre *Trachurus* Rafinesque, 1810 et *Caranx Lacépède*, 1810 (Poissons, Téléostéens. Carangidae) des côtes tunisiennes: Morphologie et Biologie. *Bull. Off. Natn. Pêch., Tunisie*. 4 (1): 155-168.
- Brito, A. 1984. Zoogeografía marina de las Islas Canarias. En: *Fauna marina y terrestre del Archipiélago Canario*. pp. 66-75. Ed. Edirca. Las Palmas de Gran Canaria.
- Brito, A.; Lozano, I.J.; Falcón, J.M.; Rodríguez, F.M.; Mena, J., 1996. Análisis biogeográfico de la ictiofauna de las Islas Canarias. En: Llinas, O., González, J.A. y Rueda M.J., (eds.). 241-270. *Oceanografía y Recursos Marinos en el Atlántico Centro-oriental*. Las Palmas de G.C.: Instituto Canario de Ciencias Marinas.
- Bukatin, P.A.; Domanevskij, L.N.; Zenkin, V.S.; Ryazantseva, E.I., 1981. On the population structure of scad in the areas of the Central East Atlantic. *Rybn. Khoz., Moskva*, 7:39-40.
- Castro, J.J., Cuyás-Lazarich, C., Fazeres-Malheiro, A.I., Hernández-López, J.L., Jiménez-García, P., Santana- Artiles, G., Santana-Ortega, A.T., Sosa-Henríquez, P., 2002. *Influencia de la estructura del Archipiélago Canario en el asilamiento de las poblaciones de especies de peces de interés comercial. Implicaciones en la gestión pesquera*. Viceconsejería de Pesca. Gobierno de Canarias. 172 pp.
- Clayton, J.W. & Tretiak, D.N. 1972: Amine citrate buffers for ph control in starch gel electrophoresis. *J. Fish. Res. Board. Can.* 29: 1169-1172.

- Durán Muñoz, P. & Román Marcote, E, 2000. Spanish experimental fishings: A cooperative research initiative between scientist and the local fishing industry. *Copenhagen-Denmark ICES*, 18 pp.
- FAO. 2002. *The State of World Fisheries and Aquaculture*. Ed. FAO Information Division. Fisheries Department, Food and Agriculture Organization, Rome. 150 pp.
- Fock, H.; Uiblein, F.; Köster, F.; Von Westernhagen, H., 2002. Biodiversity and species-environment relationships of the demersal fish assemblage at the Great Meteor Seamount (subtropical NE Atlantic), sampled by different trawls. *Marine Biology*. 141: 185-199.
- González, F.; Alay, F.; Cabello, J.; Chávez, R., 1996. Definición de unidad de stock desde el punto de vista genético en el recurso jurel (*Trachurus symmetricus murphyi*) Nichols, 1920 (Carangidae, Perciformes). *Gayana Oceanol.* 4(2): 183-194.
- Gubbay, S., 2003. *Seamounts of the North-East Atlantic. Final Draft*. Ed. Stefanie Fine Schmidt. Oasis, Hamburg & WWF Germany, Frankfurt & Main. 37 pp.
- Guerra-Sierra, A. & Sánchez-Lizaso, J.L., 1998. *Fundamentos de explotación de recursos vivos marinos*. Ed. Acribia, S.A. Zaragoza. 249 pp.
- Hernández-García, V.; Hernández-López, J.L. & Castro, J.J., 1998. The octopus (*Octopus vulgaris*) in the small-scale trap fishery off the Canary Islands (central-east Atlantic). *Fish.Res.*, 35: 183-189.
- IUBNC (Internacional Union of Biochemistry. Nomenclatura Comité), 1984 *Enzyme nomenclature*. Orlando, Florida: Academia Press.
- La Violette, P.E., 1974. A satellite-aircraft thermal study of the upwelled water off the Spanish Sahara. *J. Phys. Oceanogr.*, 4: 676-684.
- Lloris, D. & Moreno, T., 1995. Distribution model and association in three pelagic congeneric species (*Trachurus* spp.) present in the Iberic Mediterranean Sea. *Sci. Mar.*, 59(3-4):399-403.

- Mancera-Rodríguez, N., 2000. Estudio de la biología, ecología y pesquería de *Stephanolepis hispidus* (Linnaeus, 1766) (Pisces: Monacanthidae) en aguas de Canarias. Mem. Tesis Doc., Univ de Las Palmas de Gran Canaria.
- Market, C.L. & Faulhaber, L. 1965 : Lactae dehydrogenase isozyme patterns of fish. *Journal of Experimental Zoology*. 159:319-332.
- Molina, R. y Laatzen, F.L., 1986. Hidrología comprendida entre mlas islas Canarias Orientales, Marruecos y las Islas Madeira. 'Campaña Norcanarias I'. *Bol. Inst. Esp. Oceanogr.*, 3(3): 1-16.
- Molina, R. y Laatzen, F.L., 1989. Hidrología de la Región Canaria 'Canarias I'. *Bol. Inst. Esp. Oceanogr.*, 5(2): 71-86.
- Meizel, S. & Market, C.L., 1967. Malate dehydrogenase isozymes of the marine snail. *Ilyanassa obsoleta*. *Arch. Biochem. Biophys.* 122: 735-765.
- Nei, M. 1972. Genetic distances between populations. *Am. Nat*, 106:283-292.
- Pajuelo, J.G. & Lorenzo, J.M., 1995. Biological parameters reflecting the current state of the exploited pink dentex *Dentex gibbosus* (Pisces: Sparidae) population off the Canary Islands. *S.Afr.L.mar.Sci.* 16:311-319.
- Pajuelo, J.G. & Lorenzo, J.M., 1996. Life history of the red porgy *Pagrus pagrus* (Teleostei: Sparidae) off the Canary Islands, central east Atlantic. *Fishery Research*. 28:163-177.
- Richardson, B.J.; Baverstock P.R.; Adams M., 1986. Allozyme electrophoresis. A handbook for animal systematics and population studies. Academic Press, Sydney. 410 pp.
- Rodríguez, J.M.; Hernández-León, S.; Barton E.D., 1999. Mesoscale distribution of fish larvae in relation to an upwelling filament off Northwest Africa. Deep Sea Research Part-1. *Oceanographic Research Papers*, 46(11):1969-1984.
- Shaboneyev, I.Ye. & Ryazantseva, Ye.I., 1977. Population structure of the oceanic horse mackerel (*Trachurus picturatus picturatus*). *J. Ichthyol.* 17(6): 954-958.

- Shaboneyev, I.Ye. & Kotlyar, A.N., 1979. A comparative morphoecological analysis of the eastern Pacific forms of *Trachurus symmetricus* and the Atlantic oceanic horse mackerel, *Trachurus picturatus*. *J. Ichthyol.* 19(2): 24-29.
- Shaklee, J.B.; Allendorf, F.W.; Morizot, D.C.; Whitt, G.S. 1990: Gene nomenclature for protein-coding-loci. *Transactions of the American Fisheries Society* 119: 182-191.
- Slatkin, M. & Barton, N.H., 1989. A comparison of three indirect methods for estimating average levels of gene flow. *Evolution* 43:1349-1368.
- Smith, P. J. & Fujio, Y., 1982. Genetic variation in marine teleosts: high variability in habitat specialists and low variability in habitat generalists. *Mar. Biol.* 69: 7-20.
- Smith-Vaniz, W.F. & F.H. Berry. 1981. Carangidae. In: Fischer, W. , G. Bianchi & W.B. Scott (eds.). FAO species identification sheets for fishery purpose. Eastern Central Atlantic; fishing areas 34, 47 (in part). Canada funds-in-Trust. Ottawa, Department of Fisheries and Oceans Canada, by arrangement with the Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Soltis, D.E. & P.S. Soltis. 1989. Isozymes in plant biology. Advances in plant Sciences series. Vol 4. Dioscoriaes Press.
- Swoford D.L. & R.B. Selander. 1981. BIOSYS-1: A FORTRAN program for the comprehensive analyses of electrophoretic data in population genetics and systematics. *Heredity* 72: 281-283.
- Van Camp, L. & Nykjaer, L., 1988. Remote sensing of the Northwest African Upwelling Area. *Internal Technical Report, Commission of the European Communities*. Joint research Centre, Ispra.
- Wright, S., 1951. The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.*15:323-354.
- Wright, S., 1978. Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural populatons. Univ. Of Chicago Press, Chicago.
- Zenkin, V.S. & Ryzantseva, E.I., 1987. Biochemical genetic aspects of studying the population of the East Atlantic horse mackerel (*Trachurus picturatus*) (Bowdich). *Copenhagen Denmark ICES*. 18pp.

Agradecimientos.

Quisiera agradecer el apoyo económico aportado por la Fundación Universitaria de Las Palmas de Gran Canaria a través de las becas Innova, la confianza depositada para la realización de este trabajo por el Dr. José Juan Castro y la ayuda prestada por su equipo, especialmente a Yeray Pérez, Ana Santana, Ana Fazeres y Concepción Cuyás. También deseo expresar mi gratitud al Dr. Pedro Sosa Henríquez y colaboradores por la asistencia técnica, y a todos aquellos que me ayudaron en la preparación de las muestras y durante el trabajo electroforético, especialmente a Esther Martín y a Pilar García, así como a Esteban y Marina por las traducciones de los textos rusos, y finalmente, al Dr. Luis de Vera por su asesoramiento. Gracias a todos.